

Simulações Numéricas de um Modelo de Transmissão de Dengue em Microrregiões do Sudoeste da Bahia (Brasil)

D.A. SANTOS^{1*} e R. THIBES²

Recebido em 5 maio, 2013 / Aceito em 8 outubro, 2014

RESUMO. Considerando um sistema de equações diferenciais envolvendo populações de duas espécies interagentes, analisamos um modelo contínuo SIR de transmissão de dengue. Descrevemos o comportamento de humanos susceptíveis, humanos infectados e mosquitos infectados no limite assintótico do modelo. Efetuamos simulações numéricas com parâmetros ajustados à microrregião do sudoeste da Bahia entre os anos de 2008 e 2012, comparando com dados reais. Discutimos os pontos de equilíbrio do modelo no contexto da microrregião estudada.

Palavras-chave: dengue, dinâmica populacional, equações diferenciais, modelo SIR.

1 INTRODUÇÃO

A dengue é considerada um dos maiores problemas de saúde pública no mundo. O vírus pode ser transmitido por duas espécies de mosquitos o *Aedes albopictus* e o *Aedes aegypti*, que é o principal transmissor da doença no Brasil. Originário da África, o *Aedes aegypti* se domesticou e se adaptou ao ambiente urbano. Nas Américas é o maior transmissor da doença com importância epidemiológica. Desde a metade da década de 90, os países das Américas Central e do Sul passaram a contribuir com muito mais da metade dos casos notificados da doença no mundo. Em 2010 foram detectados 1,69 milhões de casos de dengue em toda a América Latina, o tipo mais grave (dengue hemorrágica) acarretou em 1185 óbitos, comprovando a característica endêmica da doença [1]. Entre os países que mais registraram surtos estiveram Brasil, Colômbia, Guatemala, Honduras, Nicarágua, México, Porto Rico, República Dominicana, Venezuela, além de países e territórios do Caribe [1]. Entre 1 de janeiro e 3 de março de 2012, foram registrados 76.906 casos da doença no Brasil [2].

*Autor correspondente: Djan Almeida Santos

¹Colegiado de Sistemas de Informação, CSI, IFBA – Instituto Federal da Bahia, Av. Amazonas, 3150, Bairro Zabelê, 45030-220 Vitória da Conquista, BA, Brasil. Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, PPGCA, UESB – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Praça Primavera, 40, Bairro Primavera, 45700-000 Itapetinga, BA, Brasil. E-mail: djan.santos@ifba.edu.br

²Departamento de Estudos Básicos e Instrumentais, DEBI, UESB – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Praça Primavera, 40, Bairro Primavera, 45700-000 Itapetinga, BA, Brasil. E-mail: thibes@uesb.edu.br

Estudos recentes sobre a disseminação da doença indicam que fatores ambientais como temperatura e precipitação pluviométrica, aliados a potenciais criadouros (recipientes que podem acumular água) e à disponibilidade de sangue (em geral de humanos), são de grande importância na atividade do mosquito e consequente disseminação da doença [3]. A transmissão se dá pela picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti* no homem, pois ela precisa do sangue humano para maturação de seus ovos e acaba introduzindo o vírus pela sua saliva.

A primeira epidemia de dengue identificada no Brasil aconteceu no estado de Roraima, nos idos de 1982, possivelmente oriunda de países que fazem fronteira com o país naquela região. O Brasil é um dos países mais atingidos pela dengue, a cada ano os casos se multiplicam. Um exemplo concreto foi a epidemia de 2008 que aconteceu no Rio de Janeiro e em diversos municípios daquele estado: foram notificados mais de 240 mil casos da DF (*Dengue Fever* – Dengue Clássica), mais de 11 mil hospitalizações, 1.364 casos de DHF (*Dengue Hemorrhagic Fever* – Dengue Hemorrágica), 169 óbitos confirmados e mais de 150 casos investigados e sem conclusão [4].

Atualmente, o mosquito *Aedes aegypti* encontra-se disseminado por praticamente todo o território nacional com três dentre os quatro sorotipos existentes do vírus (DENV-1, DENV-2 e DENV-3) ativos no Brasil³ [3]. O quadro epidemiológico tem se caracterizado por epidemias recorrentes, mais visíveis nos grandes centros urbanos. As ações de controle existentes, além de custosas, têm se mostrado ineficientes, principalmente devido à explosão populacional desorganizada e às más condições de vida da maioria da população em países como o Brasil.

Neste cenário, visando entender os mecanismos de transmissão da doença, bem como compreender e dominar seus processos epidêmicos, utilizamos um modelo matemático de equações diferenciais ordinárias, baseado no bem conhecido modelo SIR, proposto originalmente por Kermack & McKendrick em 1927 [5]. Na literatura recente podemos encontrar propostas de modelos similares para o problema [3, 6, 7, 8, 9]. Em particular, no presente trabalho, aplicamos o modelo de Esteva & Vargas [7] à descrição da transmissão da dengue em regiões do sudoeste da Bahia de alto grau de incidência da doença, confrontando as previsões do modelo com dados reais. Discutimos o controle da população vetorial através da determinação de condições de limiar para a existência ou não de pontos de equilíbrio estáveis ou instáveis com vistas a caracterizar situações de epidemia.

2 O MODELO MATEMÁTICO

A transmissão do vírus da dengue se dá pela picada da fêmea do *Aedes aegypti* que, sendo portadora e picando um ser humano exposto, transmite a dengue. Considerando um modelo contínuo para a evolução dinâmica das populações humana e de mosquitos, essa picada ocorre através da interação entre setores das correspondentes populações, caracterizada por produtos de funções diferenciáveis.

Seguimos aqui o modelo e notação propostos por Esteva & Vargas [7] objetivando descrever a transmissão da doença para um dos quatro sorotipos possíveis da dengue. Subdividimos a

³Alguns casos isolados já foram registrados do DENV-4 no Brasil [10].

população humana da região de estudo N_H em três setores distintos: susceptíveis (\bar{S}_H), seres humanos não infectados pela doença; infectados (\bar{I}_H), humanos portadores do vírus, capazes de transmiti-lo aos mosquitos; e removidos (\bar{R}_H), indivíduos que contraíram o vírus e se tornaram imunes àquele sorotipo. Naturalmente, temos a relação de consistência

$$N_H = \bar{S}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H . \quad (2.1)$$

Consideramos uma taxa de natalidade *per capita* para a população humana μ_H igual à de mortalidade, de maneira que a população total N_H permanece constante.

Em relação à população de vetores transmissores N_V , nesse caso os mosquitos, consideramos apenas duas classes determinadas pelas variáveis susceptíveis (\bar{S}_V), mosquito hospedeiro que pode estar na fase aquática ou adulto; e infectantes (\bar{I}_V), portador do vírus e capaz de transmiti-lo, satisfazendo

$$N_V = \bar{S}_V + \bar{I}_V . \quad (2.2)$$

Sendo o ciclo de vida do mosquito curto⁴, não contemplamos a possibilidade de sua recuperação. Supomos uma taxa de recrutamento fixa A e uma taxa de mortalidade *per capita* constante igual a μ_V , de forma que

$$N'_V = A - \mu_V N_V \quad (2.3)$$

com solução tendendo exponencialmente para o equilíbrio em A/μ_V .

Denotamos por b a quantidade diária de picadas realizadas por mosquito. Em princípio, esta quantidade pode variar, por exemplo, com as condições climáticas, no entanto no modelo consideramos b constante. Além de humanos, o mosquito transmissor da doença pode realizar picadas em outros mamíferos. Definimos então m como a quantidade de diferentes hospedeiros alternativos, de forma que a probabilidade de um mosquito picar um humano em detrimento de outro mamífero disponível é dada por $N_H/(N_H + m)$. Portanto, as taxas de picadas por humano por unidade de tempo e de picadas por vetor por unidade de tempo são dadas respectivamente por

$$\frac{bN_V}{(N_H + m)} \quad \text{e} \quad \frac{bN_H}{(N_H + m)} , \quad (2.4)$$

sendo $N_H + m$ o total de hospedeiros disponíveis para o vetor. Contudo, o fato de um ser humano ser picado não determina necessariamente a sua infecção, de forma que consideramos ainda as probabilidades de transmissão da doença em humanos a partir do vetor infectado e em vetores a partir de humanos infectados respectivamente iguais a β_H e β_V .

Coletando todas essas informações, e definindo ainda γ_H como a taxa de recuperação ou imunização dos humanos, podemos escrever o seguinte sistema não linear de equações diferenciais ordinárias acopladas:

$$\begin{aligned} \bar{S}'_H &= \mu_H N_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - \mu_H \bar{S}_H , \\ \bar{I}'_H &= \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - (\mu_H + \gamma_H) \bar{I}_H , \end{aligned}$$

⁴A duração do ciclo de vida, em condições favoráveis (oferta de alimentos e temperatura) é em média 30 dias, a partir da ovulação até sua morte [3].

$$\begin{aligned}
 \bar{R}'_H &= \gamma_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{R}_H, \\
 \bar{S}'_V &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{S}_V, \\
 \bar{I}'_V &= \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{I}_V.
 \end{aligned}
 \tag{2.5}$$

Note que a soma das três primeiras equações asseguram que N_H permanece constante, de forma que o sistema (2.5) descreve a evolução dinâmica das populações definidas no espaço de configurações $\mathcal{T} = (\bar{S}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$ respeitando o vínculo (2.1). Ou seja, dispomos de uma primeira integral trivial (2.1) a partir da qual podemos eliminar, por exemplo, a terceira das equações (2.5) escrevendo $\bar{R}_H = N_H - \bar{S}_H - \bar{I}_H$. Introduzindo ainda as populações relativas

$$S_H = \frac{\bar{S}_H}{N_H}, I_H = \frac{\bar{I}_H}{N_H}, S_V = \frac{\bar{S}_V}{A/\mu_V}, I_V = \frac{\bar{I}_V}{A/\mu_V},
 \tag{2.6}$$

o sistema (2.5) pode ser reescrito como

$$\begin{aligned}
 S'_H(t) &= \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \\
 I'_H(t) &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \\
 S'_V(t) &= \mu_V(1 - S_V) - b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} S_V I_H, \\
 I'_V(t) &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} S_V I_H - \mu_V I_V.
 \end{aligned}
 \tag{2.7}$$

Por fim, considerando o limite assintótico $N_V \rightarrow A/\mu_V$ para população de vetores constante, temos $S_V = 1 - I_V$, reduzimos o sistema inicialmente descrito em (2.5) para três equações diferenciais ordinárias não lineares nas variáveis populacionais relativas

$$\begin{aligned}
 S'_H(t) &= \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \\
 I'_H(t) &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \\
 I'_V(t) &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V.
 \end{aligned}
 \tag{2.8}$$

Este último sistema (2.8) define o modelo que, através de integração numérica, será objeto de comparação com dados reais no sudoeste baiano brasileiro nas próximas seções.

3 COMPARAÇÃO COM DADOS REAIS

Nesta seção apresentamos os resultados da integração numérica do sistema (2.8) via método de Runge-Kutta de quarta ordem [13] implementado em linguagem C e comparamos com dados reais de regiões do sudoeste da Bahia. Naturalmente o modelo apresenta grande sensibilidade em relação aos parâmetros, de forma que procuramos nos restringir a faixas de variação dos mesmos encontradas na literatura recente [7, 11, 12, 14], conforme listados nas Tabelas 1 e 2.

Tabela 1: Valores utilizados nos parâmetros da simulação numérica por outros autores.

Parâmetro	Faixa Utilizada	Fonte
β_H	0,75	Esteva & Vargas [7]
β_V	1	Newton & Reiter [11]
γ_H	0,143 a 0,263 dia ⁻¹	Yang [14]/Massad [12]
μ_V	0,25 dia ⁻¹	Esteva & Vargas [7]
μ_H	$4,57 \times 10^{-5}$ dia ⁻¹	Esteva & Vargas [7]
b	0,5 (dia.mosquito) ⁻¹	Esteva & Vargas [7]

Tabela 2: Faixas de variação dos parâmetros utilizadas nas simulações numéricas desta pesquisa.

Parâmetro	Faixa Utilizada
β_H	0,75
β_V	1
γ_H	0,143 a 0,3428 dia ⁻¹
μ_V	0,14 a 0,28 dia ⁻¹
μ_H	$1,557 \times 10^{-4}$ a $9,57 \times 10^{-5}$ dia ⁻¹
b	0,5 a 0,9 (dia.mosquito) ⁻¹

Em particular variações nos parâmetros γ_H , μ_V e μ_H regem mais acentuadamente os intervalos de tempo entre os picos obtidos.

Realizamos simulações numéricas buscando descrever dados reais para populações de municípios da microrregião de Itapetinga, Bahia. O Município de Itapetinga está localizado no sudoeste baiano, situado a 268 metros acima do nível do mar. É a 24^a cidade mais populosa do estado e, segundo o censo 2010, possui aproximadamente 68 mil habitantes [15]. O município ocupa ainda uma área de 1.627,462 km² sendo sua densidade demográfica de 41.95 habitantes por km² [15]. Itapetinga é uma das cidades mais urbanizadas da Bahia, pois 97% da população mora na área urbana e apenas 3% na área rural [15]. A microrregião de Itapetinga-BA envolve, além da sede, os municípios de Itororó, Ibicuí, Iguaiá, Itambé, Macarani, Maiquinique, Potiraguá, Itarantim, Firmino Alves e Caatiba com população total aproximada de 230 mil habitantes [15].

Os gráficos a seguir foram plotados no Gnuplot, a partir de resultados da integração numérica realizada em linguagem C, buscando representar o número de Humanos Infectados (I_H) em toda a microrregião e em alguns municípios específicos. Nestes mesmos gráficos plotamos os dados experimentais relativos à quantidade de casos de dengue registrados na 14^a Dires – Diretoria Regional de Saúde do Estado da Bahia – com sede em Itapetinga [16].

Na Figura 1 apresentamos o resultado da simulação computacional para os valores de Humanos Infectados (I_H) pela doença da dengue em toda microrregião de Itapetinga comparado aos valores de casos oficiais registrados na 14ª Dires no período de Janeiro de 2009 a maio de 2012. Nas Figuras 2, 3 e 4 observamos os resultados da simulação computacional para os valores de Humanos Infectados (I_H) pela doença da dengue nos municípios de Itapetinga, Itororó e Iguai novamente comparando com os valores de casos oficiais registrados na 14ª Dires. Em Itapetinga o período pesquisado foi de setembro de 2008 a maio de 2012. Como o modelo não faz distinção quanto ao sorotipo, foram considerados igualmente todos os tipos de dengue registrados. Confrontamos sempre no eixo das ordenadas a quantidade real de humanos infectados com a função $I_H(t)$ em (2.8).

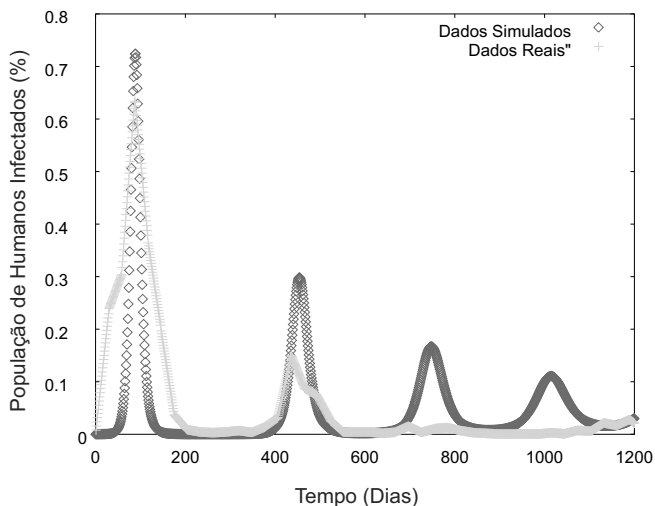


Figura 1: Simulação de humanos infectados na microrregião de Itapetinga-BA. Parâmetros: $A = 800.000$ mosquitos, $m = 30.000$ hospedeiros alternativos, $N_H = 225.530$ habitantes, $\mu_H = 1,557 \times 10^{-4} \text{ dia}^{-1}$, $\mu_V = 0,28 \text{ dia}^{-1}$, $\beta_H = 0,75$, $\beta_V = 1$, $\gamma_H = 0,3428 \text{ dia}^{-1}$ e $b = 0,6 \text{ (mosquito.dia)}^{-1}$. Condições iniciais: $S_{H0} = 0,0689357$, $I_{H0} = 1,66521 \times 10^{-7}$, $I_{V0} = 2,21714 \times 10^{-7}$.

Observamos pelos gráficos apresentados que o comportamento epidemiológico qualitativo dos dados é evidentemente capturado pelo modelo. Notamos também que quanto maior a população total do município ou microrregião, melhor o acordo entre o modelo e os dados experimentais. Isso se dá devido ao fato de que quanto menor a população de um município mais representativa a incidência ou não de um único caso e, naturalmente, o modelo de equações diferenciais (2.8) pressupõe variáveis populacionais contínuas, gerando resultados melhores para N_H grande. No entanto, a Figura 4, que apresenta o resultado da simulação para a cidade de Iguai, apresenta resultados melhores do que os da Figura 2, da cidade de Itapetinga, que tem uma maior população. Isto ocorre porque a maior população de mosquitos também influencia na melhor concordância dos resultados. Vale lembrar que os dados experimentais são os registrados pela 14ª Dires, o que evidentemente está sujeito a não notificação de algum caso e, conseqüentemente, o mesmo não

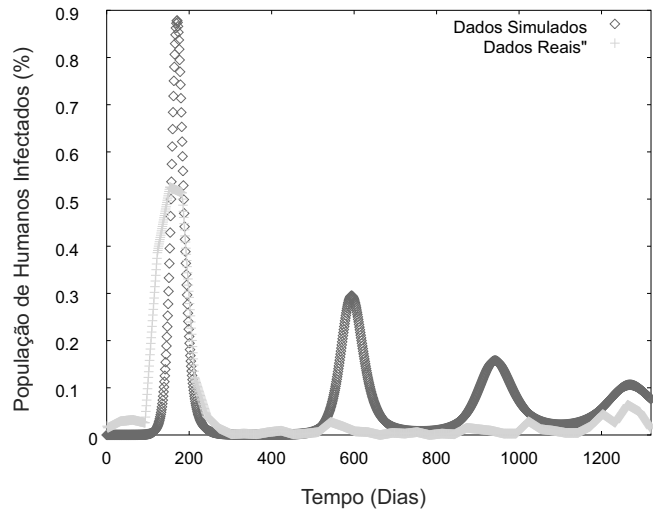


Figura 2: Simulação de humanos infectados no município de Itapetinga-BA. Parâmetros: $A = 74.000$ mosquitos, $m = 6.000$ hospedeiros alternativos, $N_H = 64.580$ habitantes, $\mu_H = 8,57 \times 10^{-5} \text{ dia}^{-1}$, $\mu_V = 0,25 \text{ dia}^{-1}$, $\beta_H = 0,75$, $\beta_V = 1$, $\gamma_H = 0,1428 \text{ dia}^{-1}$ e $b = 0,8 \text{ (mosquito.dia)}^{-1}$. Condições iniciais: $S_{H0} = 0,0391847$, $I_{H0} = 1,72664 \times 10^{-9}$, $I_{V0} = 3,82791 \times 10^{-9}$.

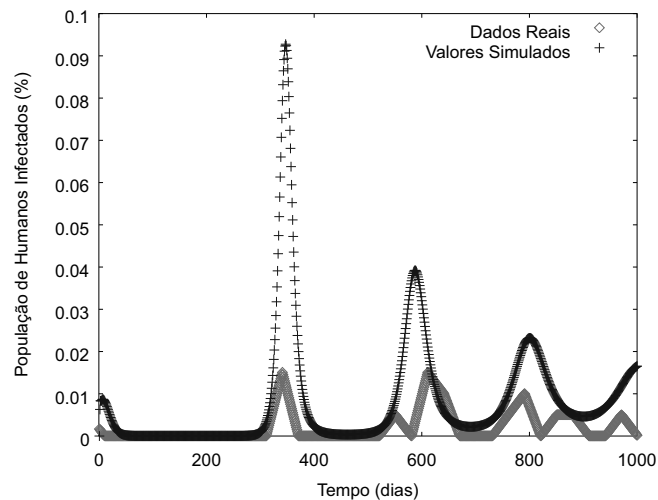


Figura 3: Simulação de humanos infectados no município de Itororó-BA. Parâmetros: $A = 125.000$ mosquitos, $m = 4.000$ hospedeiros alternativos, $N_H = 19.914$ habitantes, $\mu_H = 5,57 \times 10^{-5} \text{ dia}^{-1}$, $\mu_V = 0,2 \text{ dia}^{-1}$, $\beta_H = 0,75$, $\beta_V = 1$, $\gamma_H = 0,5428 \text{ dia}^{-1}$ e $b = 0,9 \text{ (mosquito.dia)}^{-1}$. Condições iniciais: $S_{H0} = 0$, $I_{H0} = 0$, $I_{V0} = 0,02$.

esteja representado na amostra, gerando diferenças consideráveis. Ressaltamos ainda que o modelo (2.8) não leva em conta fatores migratórios, variações nas taxas de mortalidade e natalidade, variações nos parâmetros devidas a efeitos climáticos de temperatura e pluviosidade etc.

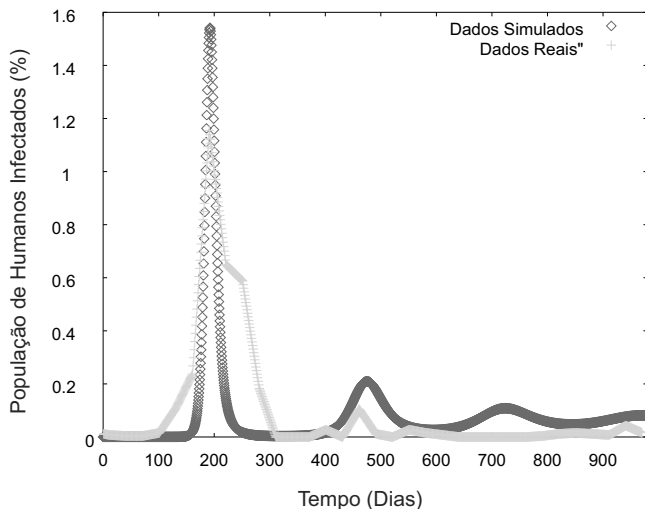


Figura 4: Simulação de humanos infectados no município de Iguai-BA. Parâmetros utilizados: $A = 12.000$ mosquitos, $m = 2.000$ hospedeiros alternativos, $N_H = 25.705$ habitantes, $\mu_H = 9,57 \times 10^{-5} \text{ dia}^{-1}$, $\mu_V = 0,14 \text{ dia}^{-1}$, $\beta_H = 0,75$, $\beta_V = 1$, $\gamma_H = 0,1428 \text{ dia}^{-1}$ e $b = 0,9 \text{ (mosquito.dia)}^{-1}$. Condições iniciais: $S_{H0} = 0,0373843$, $I_{H0} = 1,31335 \times 10^{-15}$, $I_{V0} = 4,89077 \times 10^{-15}$.

Percebemos nos gráficos que apesar de não termos introduzido efeitos sazonais *ad hoc* no modelo, os mesmos emergem naturalmente, corroborando uma maior incidência da doença do meio para o final do verão. Essa época é mais propícia à disseminação da dengue por serem os ovos do *Aedes aegypti* depositados pela fêmea em reservatórios de água e esses, por sua vez, se tornam mais abundantes devido às chuvas rápidas de verão.

Além dos humanos infectados (I_H), é possível analisar a população de vetores infectados (I_V) responsáveis pela quantidade de casos simulados para determinado período, porém, não é possível compará-los com dados reais, devido a inexistência dos mesmos e a dificuldade em mensurá-los.

Verificamos na Figura 5 o mesmo efeito de sazonalidade para a infecção dos mosquitos. Estes dados foram obtidos a partir da simulação computacional realizada com os mesmos parâmetros da Figura 1.

4 CÁLCULO DO NÚMERO BÁSICO DE REPRODUTIBILIDADE

Nesta seção analisamos os pontos de equilíbrio do modelo (2.8) e calculamos o número de reprodutibilidade básica associado às simulações anteriores. Considerando as faixas de variação dos setores das populações, definimos a região de interesse biológico

$$\Omega = \{(S_H, I_H, I_V) : 0 \leq I_V \leq 1; 0 \leq S_H; 0 \leq I_H; S_H + I_H \leq 1\}. \quad (4.1)$$

Naturalmente o modelo (2.8) tem sentido representativo do fenômeno apenas na região Ω .

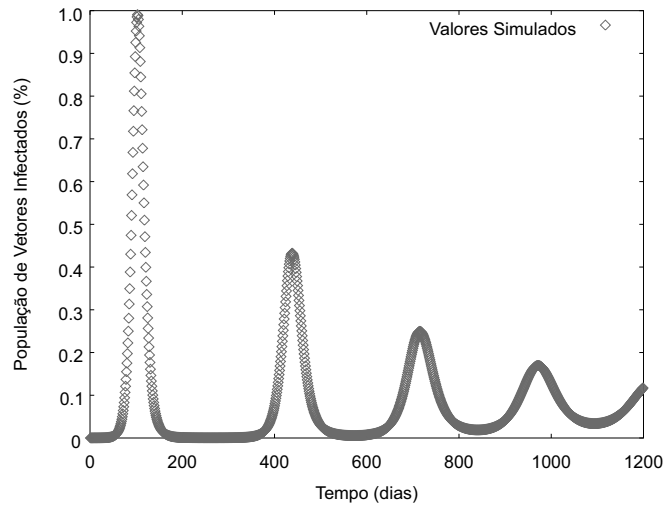


Figura 5: Simulação de vetores infectados na microrregião de Itapetinga-BA, utilizando os mesmos parâmetros e condições iniciais definidos na Figura 1.

Por definição de ponto de equilíbrio de um sistema dinâmico as derivadas temporais de S_H , I_H e I_V devem se anular. Igualando as derivadas temporais em (2.8) a zero, obtemos dois pontos de equilíbrio $E_1 = (1, 0, 0)$ e $E_2 = (S_H^{(e)}, I_H^{(e)}, I_V^{(e)})$ com

$$S_H^{(e)} = \frac{\beta + M}{\beta + MR_0^2}, \quad I_H^{(e)} = \frac{R_0^2 - 1}{\beta + MR_0^2} \quad \text{e} \quad I_V^{(e)} = \frac{\beta(R_0^2 - 1)}{R_0^2(\beta + M)} \quad (4.2)$$

onde definimos as combinações lineares de parâmetros [7]

$$\beta = \frac{b\beta_V N_H}{\mu_V(N_H + m)}, \quad M = \frac{\gamma_H + \mu_H}{\mu_H}, \quad (4.3)$$

e

$$R_0^2 = \frac{b^2\beta_H\beta_V N_H A/\mu_V}{(N_H + m)^2\mu_V(\gamma_H + \mu_H)}. \quad (4.4)$$

O parâmetro R_0 acima definido é crucial para a análise da estabilidade dos pontos de equilíbrio do modelo. De fato R_0 representa o número básico de casos infecciosos secundários gerados por um caso primário em uma população totalmente susceptível e suficientemente grande. Note que, como todos os parâmetros do modelo são positivos, se $R_0 < 1$, o segundo ponto de equilíbrio encontra-se fora da região Ω e temos apenas um ponto de equilíbrio válido. Pode-se mostrar que para $R_0 \leq 1$, E_1 constitui um ponto de equilíbrio assintoticamente estável, enquanto para $R_0 > 1$, E_1 torna-se instável e E_2 é estável. Uma análise cuidadosa da estabilidade dos pontos E_1 e E_2 , justificando as afirmações acima, pode ser encontrada em [7].

Considerando os valores numéricos dos parâmetros utilizados em nossas simulações para a microrregião de Itapetinga, apresentamos na Tabela 3 os valores de R_0 e do segundo ponto de equilíbrio E_2 . Como todos os valores de R_0 são maiores que um, o modelo prevê a situação de equilíbrio endêmico para todos os casos.

Tabela 3: Número básico de reprodutibilidade R_0 para alguns dos municípios da microrregião.

Município	R_0^2	R_0	$E_2 = (S_H^{(e)}, I_H^{(e)}, I_V^{(e)})$
Itapetinga	51,563	7,180	(0.019427, 0.000588, 0.001719)
Iguaí	101,251	10,062	(0.09919, 0.000663, 0.004245)
Itororó	121,777	11,035	(0.008215, 0.000102, 0.000381)

5 DISCUSSÃO FINAL

Efetuamos simulações numéricas do modelo de equações diferenciais (2.8) originalmente proposto por [7] para a disseminação da dengue, confrontando os resultados com dados reais para uma microrregião no estado da Bahia. Especificamente aplicamos o método de Runge-Kutta de quarta ordem para a integração do sistema. O comportamento qualitativo global dos dados é descrito satisfatoriamente pelo modelo. Em particular, obtivemos aspectos de sazonalidade característicos da transmissão de dengue, com aumento da incidência de casos no verão. No entanto o modelo possui baixo poder preditivo local. Naturalmente a transmissão de dengue não é um fenômeno biológico simples de ser matematizado.

O modelo contém uma quantidade significativa de parâmetros e não considera, por exemplo, fatores migratórios, variações climáticas de temperatura e conseqüentemente de parâmetros, variações em taxas de natalidade e mortalidade etc. Possíveis generalizações para o modelo encontram-se atualmente sob análise com vistas a melhora de acordo entre os dados reais e os previstos, assim como a expansão da região geográfica de estudo considerada.

ABSTRACT. Considering a system of differential equations involving populations of two interacting species, we study a continuous SIR model of dengue transmission. We describe the behavior of susceptible humans, infected humans and infected mosquitoes at the asymptotic limit of the model. We perform numerical simulations with parameters adjusted to the micro-region of southwestern Bahia between the years 2008 and 2012, comparing with actual data. We discuss the equilibrium points of the model in the context of the studied micro-region.

Keywords: dengue, populational dynamics, differential equations, SIR model.

REFERÊNCIAS

- [1] OPAS – Organização Pan-Americana de Saúde, Alerta epidemiológico: Dengue nas Américas. Disponível em <http://new.paho.org>. Acesso em 21 de abril de 2013.
- [2] SVS – Secretaria de Vigilância em Saúde. Dengue na Região Norte cai 76% no primeiro bimestre. Disponível em <http://portalsaude.saude.gov.br>. Acesso em 18 de abril de 2013.
- [3] J.A. Ferreira. “Um Modelo Multiescalas de Autômatos Celulares para Pandemia de Dengue”. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, (2009).

- [4] Ministério da Saúde. Informe Epidemiológico da Dengue, Janeiro à Dezembro de 2008. Cad. Saúde Pública, (2008).
- [5] W.O. Kermack & A.G. Mckendrick. Contributions to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the The Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character. Vol. 115 (1927), pp. 700–721.
- [6] Y. Li & J.S. Muldowney. Global stability for the SEIR model in epidemiology. Elsevier, *Mathematical Biosciences*, **125** (1995), 155–164.
- [7] L. Esteva & C. Vargas. Analysis of a dengue disease transmission model. Elsevier, *Mathematical Biosciences*, **150** (1998), 131–151.
- [8] H.M. Yang & C.P. Ferreira. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. Elsevier, *Applied Mathematics and Computation*, **198** (2008), 401–413.
- [9] S.T.R. Pinho, C.P. Ferreira, L. Esteva, F.R. Barreto, V.C. Morato e Silva & M.G.L. Teixeira. Modelling the dynamics of dengue real epidemics. Philosophical Transactions Royal Society, *Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, **368** (2010), 5679–5693.
- [10] SVS – Secretaria de Vigilância em Saúde, Nota Técnica N° 3 (01/2011). Disponível em <http://portal-saude.saude.gov.br>. Acesso em 16 de abril de 2013.
- [11] E.A. Newton & P. Reiter. A model of the transmission of dengue fever with evaluation of the impact of ultra-low volume (ULV) insecticide applications on dengue epidemics. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, **47** (1992), 709–20.
- [12] M.J. Cox, K. Elwin, E. Massad & R.S. Azevedo. Age-specific seroprevalence to an immunodominant *Cryptosporidium* sporozoite antigen in a Brazilian population. *Epidemiology and Infection*, **133**(5) (2005), 951–956.
- [13] W.H. Press, S.A. Teukolsky, W.T. Wetterling & B.P. Flannery. “Numerical Recipes in C – The Art of Scientific Computing”. Cambridge University Press. Second Edition. New York (1992).
- [14] H.M. Yang & C.P. Ferreira. Estudo da transmissão da dengue entre os indivíduos em interação com a população de mosquitos *Aedes aegypti*. *TEMA – Tend. Mat. Apl. Comput.*, **4**(3) (2003), 323–332.
- [15] IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Boletim Censo 2010. Disponível em <http://www.censo2010.ibge.gov.br>. Acesso em 18 de abril de 2013.
- [16] DIRES – 14ª Diretoria Regional de Saúde da Bahia, Mapa da Dengue na microrregião de Itapetinga-Ba. Itapetinga-BA (2012). Não Publicado.